



GENES DE RESISTÊNCIA A DOENÇAS COMUM ENTRE DIFERENTES ESPÉCIES DE *Panicum*

Fátima Termos¹ (fatimatermos.ft@gmail.com); **Rodrigo Matheus Pereira²** (rodrigopereira@ufgd.edu.br); **Lucimara Chiari³** (lucimara.chiari@embrapa.br).

¹Discente no curso de Biotecnologia da UFGD

²Docente da Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais da UFGD

³Pesquisadora da Embrapa Gado de Corte

O gênero *Panicum* é um gênero de plantas forrageiras da família Poaceae com grande potencial econômico, amplamente utilizado na alimentação bovina. Dentre elas, o *Panicum maximum*, também conhecido como capim-colonião, é o que tem maior destaque no Brasil, pelo seu grande potencial de produção de matéria seca, pela sua facilidade de estabelecimento e ampla adaptabilidade, além da boa qualidade da forragem. No entanto, ainda não há estudos aprofundados do seu genoma, que poderiam fornecer informações importantes sobre aplicações em potencial e para auxiliar no seu melhoramento. O objetivo deste trabalho foi buscar através de análises de bioinformática, genes de resistência ortólogos e exclusivos de três espécies de *Panicum*: *Panicum maximum*, *Panicum halli* e *Panicum virgatum*, sendo os transcriptomas dos dois últimos obtidos a partir do download em um banco de dados online. O desenvolvimento do trabalho foi conduzido na Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD), e o transcriptoma do *Panicum maximum* foi sequenciado e cedido pela Embrapa Gado de Corte. A busca dos genes ortólogos foi feita por meio de uma análise de similaridade realizada com o programa Diamond, que comparou os transcriptomas das plantas ao PRGdb, um banco de dados de genes de resistência a doenças em plantas, também disponível online. Em seguida, os resultados obtidos foram inseridos em um gráfico para melhor visualização. 3461 genes de resistência a doenças ortólogos foram encontrados pela análise considerando e-value 0, ou seja, sem possibilidades da similaridade ter sido encontrada ao acaso. Além disso, foram encontrados 525 genes em comum entre o *P. maximum* e o *P. virgatum*; 337 genes em comum entre o *P. maximum* e o *P. halli*; 2220 genes em comum entre o *P. virgatum* e o *P. halli*; 538 genes exclusivos do *P. maximum*; 1744 genes exclusivos do *P. virgatum* e 626 genes exclusivos do *P. halli*. Os principais domínios de resistência encontrados foram o LRR e TIR. O alto número de genes de resistência ortólogos reflete o grau de proximidade entre as espécies, já que são todas do mesmo gênero. Os genes de referência exclusivos de cada uma das espécies tem grande valor de pesquisa e mercado, já que o estudo e conhecimento desses genes podem ser utilizados tanto para melhor manejo da espécie, quanto para fornecer base para o seu melhoramento, e possibilitar o melhoramento uma das outras, cruzando os genomas ou trocando entre elas os genes de interesse por meio de engenharia genética.

Palavras-chave: bioinformática, transcriptoma, blast

Agradecimentos: Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão de bolsa de iniciação científica ao primeiro autor